

REPUBLIC INDONESIA  
KEMENTERIAN HUKUM DAN HAK ASASI MANUSIA

# SURAT PENCATATAN CIPTAAN

Dalam rangka perlindungan ciptaan di bidang ilmu pengetahuan, seni dan sastra berdasarkan Undang-Undang Nomor 28 Tahun 2014 tentang Hak Cipta, dengan ini menerangkan:

Nomor dan tanggal permohonan : EC00202340789, 5 Juni 2023

## Pencipta

Nama : **Dr. Ir. Muhammad Wiharto, M.Si**  
Alamat : Jl. Raya Pendidikan Blok F3/No. 1 Makassar, Makassar, Sulawesi Selatan, 90222  
Kewarganegaraan : Indonesia

## Pemegang Hak Cipta

Nama : **UNIVERSITAS NEGERI MAKASSAR**  
Alamat : Jl. A.P. Pettarani, Tidung, Makassar, Sulawesi Selatan, 90222  
Kewarganegaraan : Indonesia  
Jenis Ciptaan : **Program Komputer**  
Judul Ciptaan : **Pemrograman R Untuk Taksiran Kekayaan Spesies Dengan Metode Rarefaction**  
Tanggal dan tempat diumumkan untuk pertama kali : 5 Juni 2023, di Makassar  
di wilayah Indonesia atau di luar wilayah Indonesia  
Jangka waktu perlindungan : Berlaku selama 50 (lima puluh) tahun sejak Ciptaan tersebut pertama kali dilakukan Pengumuman.  
Nomor pencatatan : 000473710

adalah benar berdasarkan keterangan yang diberikan oleh Pemohon.

Surat Pencatatan Hak Cipta atau produk Hak terkait ini sesuai dengan Pasal 72 Undang-Undang Nomor 28 Tahun 2014 tentang Hak Cipta.

a.n. MENTERI HUKUM DAN HAK ASASI MANUSIA  
Direktur Hak Cipta dan Desain Industri



Anggoro Dasananto  
NIP. 196412081991031002

## Disclaimer:

Dalam hal pemohon memberikan keterangan tidak sesuai dengan surat pernyataan, Menteri berwenang untuk mencabut surat pencatatan permohonan.

**SOURCE KODE**  
**PEMROGRAMAN R UNTUK TAKSIRAN KEKAYAAN SPESIES**  
**DENGAN METODE RAREFACTION**



**Dr. Ir. Muhammad Wiharto, M.Si**

```
#- Library yang diperlukan
library(data.table)
library(vegan)
library(tidyr)
library(ggplot2)
#-
rm(list=ls(all=TRUE))
setwd('E:/WihartoMuh/BioDiversity02/Tondong Tallasa/POHON LANNE/DATA
MENTAH/pohon lanne pnbp 2018')
df <- fread('pohon.lanne.inp.csv', header=TRUE, sep=',', dec='.')
head(df)
dim(df)
str(df)
#- Ambil kolom transek, spesies, dan
df1 <- df[, .(transek, spesies, den),]
#- tambahkan kolom tr berdasarkan kolom transek
df2 <- df1[, tr :=paste('t', transek, sep=""),]
head(df2)
#- Pilih kolom/variabel
df3 <-df2[,.(spesies, den, tr),]
head(df3)
df3.2 <- df3[,.N, by=.(tr)]
df3.2
df3.3 <- df3.2[order(tr,decreasing=FALSE),]
#- Ubah menjadi melebar
df4 <- dcast(data=df3,formula=spesies~tr,value.var='den')
head(df4)
#- untuk mengubah nama "NA" menjadi "0"
```

```

df4[is.na(df4)]<-0
head(df4)
#- Pilih kolom/variabel
df5 = df4[, !c("spesies"), with=FALSE]
#- Kelimpahan Spesies Setiap Tegakan
#- Menentukan kolom yang hendak diketahui kelimpahannya
pilih.kolum <- c("t1", "t10", "t11", "t12", "t13", "t2", "t3", "t4",
"t5", "t6", "t7", "t8", "t9")
df5.2 <- df4[, lapply(.SD, sum), .SDcols= pilih.kolum]
df5.2
#- Menentukan kolom dengan nilai terkecil
baris.min <-min(df5.2)
baris.min
#- Putar data (transformasi)
df6 <- t(df5)
#- lakukan rarefaction dengan mengacu pada nilai jumlah terkecil
#- jumlah individu terkecil dari tegakan
#- rarefy memperkirakan jumlah sp yang ada pada suatu tegakan
srare <- rarefy (df6,baris.min)
srare <- data.frame(srare)
rarefaction <- setNames(cbind(rownames(srare),
srare,
row.names = NULL),
c('Transek', 'RF'))
rarefaction <-as.data.table(rarefaction)
is.data.table(rarefaction)
rarefaction <- rarefaction[order(Transek,decreasing=FALSE),]
rarefaction <- data.table(rarefaction,df3.3)
#- Pilih kolom/variabel
rarefaction <- rarefaction[, !c("tr"), with=FALSE]
rarefaction <- rarefaction[order(RF,decreasing=TRUE),]

```

```
rarefaction
#- Buat Grafik
data <- gather(rarefaction, key = 'Jumlah', value = 'Nilai',
c('RF', 'N'))
#- Membentuk Grafik
g <- ggplot(data = data, mapping=aes(x=Transek, y=Nilai))
g <- g + geom_bar(aes(fill = Jumlah),
position = 'dodge', stat='identity')
g <- g + theme_bw()
#- Menampilkan Grafik
print(g)
#-
#- SELESAI
```

# **PANDUAN PENGGUNAAN**

## **PEMROGRAMAN R UNTUK TAKSIRAN KEKAYAAN SPESIES DENGAN METODE RAREFACTION**

**Oleh:**

**Dr. Ir. Muhammad Wiharto, M.Si**

## PENDAHULUAN

Tujuan utama dalam kajian ekologi komunitas dan biologi konservasi adalah mengukur kekayaan spesies. (Gotelli & Colwell, 2011). Salah satu masalah dalam membandingkan sampel komunitas adalah ukuran sampel yang berbeda. Hal ini dapat dipecahkan antara lain dengan standarisasi sampel menggunakan ukuran yang sama.

Rarefaction merupakan metode untuk menaksir jumlah spesies yang diharapkan dari sampel acak yang diperoleh dari suatu kumpulan. Pertanyaan yang dijawab dengan metode ini adalah jika suatu sampel terdiri atas  $n$  individu dimana  $n < N$ , maka berapa jumlah spesies yang seharusnya ada? (Krebs, 1989). Metode Rarefaction berusaha untuk memperbaiki bias ukuran sampel ini dengan memanfaatkan model sampel yang digunakan (Smith *et al.*, 1985).

Bahasa pemrograman R dapat digunakan untuk kajian ekologi (Kindt & Coe, 2005). Penelitian ini bertujuan untuk membuat program pendugaan kekayaan spesies dengan metode Rarefaction menggunakan bahasa pemrograman R.

## PENJELASAN TENTANG KODE DAN PENGGUNAAN KODE

Jumlah baris kode R yang digunakan untuk menduga jumlah spesies dengan metode Rarefaction sebanyak 64. *Package* yang digunakan dapat dilihat pada baris ke 3-6 hal terdiri atas `data.table` versi 14.2 (Dowle & Srinivasan, 2020), `vegan` versi 2.5-7 (Oksanen *et al.*, 2020), `tidyr` versi 1.1.4 (Wickham, 2021) dan `ggplot2` (Wickham, 2016).

1. #- Library yang diperlukan
2. `library(data.table)`
3. `library(vegan)`
4. `library(tidyr)`
5. `library(ggplot2)`
6. #-

Data tersimpan dalam bentuk file dengan tipe *comma separated value*. Pada baris ke 11 ditampilkan 6 baris teratas dari data dengan nama file yang disimpan pada objek `df`. Nampak bahwa data tersebut merupakan tabel Indeks Nilai Penting (INP). Pendugaan jumlah spesies akan dilakukan terhadap transek-transek. Jumlah baris data sebanyak 312 dengan kolom sebanyak 9 (perintah pada baris 12) dalam bentuk memanjang ke bawah. Tipe data pada objek `df` dapat dilihat

pada perintah baris 12, yakni karakter, numerik, dan integer yang merupakan struktur data frame dan data.table.

```
7. rm(list=ls(all=TRUE))
8. setwd('E:/WihartoMuh/BioDiversity02/Tondong Tallasa/POHON LANNE/DATA
   MENTAH/pohon lanne pnbp 2018')
9. df <- fread('pohon.lanne.inp.csv', header=TRUE, sep=',', dec='.')
10. head(df)
      transek spesies      dom      dom.rel frek  fre.rel den den.rel      INP
1:      1      A 1541.51692 3.1636022 4 10.810811 6 12 25.974413
2:      1      B 18832.85288 38.6500162 7 18.918919 13 26 83.568935
3:      1      C 1745.27065 3.5817589 3 8.108108 3 6 17.689867
4:      1      D 340.15511 0.6980886 3 8.108108 4 8 16.806197
5:      1      E 66.43678 0.1363459 1 2.702703 1 2 4.839049
6:      1      F 364.57781 0.7482105 1 2.702703 1 2 5.450913
11. dim(df)
     [1] 312 9
12. str(df)
Classes 'data.table' and 'data.frame': 312 obs. of 9 variables:
 $ transek: int 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ spesies: chr "A" "B" "C" "D" ...
 $ dom : num 1541.5 18832.9 1745.3 340.2 66.4 ...
 $ dom.rel: num 3.164 38.65 3.582 0.698 0.136 ...
 $ frek : int 4 7 3 3 1 1 1 1 1 1 ...
 $ fre.rel: num 10.81 18.92 8.11 8.11 2.7 ...
 $ den : int 6 13 3 4 1 1 1 2 1 1 ...
 $ den.rel: num 12 26 6 8 2 2 2 4 2 2 ...
 $ INP : num 25.97 83.57 17.69 16.81 4.84 ...
 - attr(*, ".internal.selfref")=<externalptr>
```

Data yang diperlukan adalah data pada kolom transek, spesies, dan den yang merupakan nilai densitas mutlak dari spesies dan dilakukan pada baris 14. Baris 16 digunakan untuk menambah karakter t pada kolom transek. Hasil yang diperoleh dapat dilihat dengan perintah pada baris 17. Perintah selanjutnya diperlukan untuk mengekstrak jumlah spesies yang terdapat pada setiap transek dengan perintah baris 19. Baris 20 digunakan untuk menampilkan objek df3 yang hanya terdiri atas 3 kolom. Nampak bahwa tabel objek tersebut dalam bentuk model memanjang. Pada baris 22 ditampilkan jumlah spesies yang di temukan pada masing-masing transek. Pengurutan kolom data berdasarkan kolom transek dilakukan pada baris 23.

```
13. #- Ambil kolom transek, spesies, den
14. df1 <- df[, .(transek, spesies, den),]
15. #- tambahkan kolom tr berdasarkan kolom transek
16. df2 <- df1[, tr :=paste('t', transek, sep=""),]
17. head(df2)
      transek spesies den tr
1:      1      A 6 t1
2:      1      B 13 t1
```



```

3:      1      C   3 t1
4:      1      D   4 t1
5:      1      E   1 t1
6:      1      F   1 t1
18.    #- Pilih kolom/variabel
19.    df3 <-df2[,.(spesies, den, tr),]
20.    head(df3)
      spesies den tr
1:      A    6 t1
2:      B   13 t1
3:      C    3 t1
4:      D    4 t1
5:      E    1 t1
6:      F    1 t1
21.    df3.2 <- df3[,.N, by=.(tr)]
22.    df3.2
      tr N
1:  t1 21
2:  t2 18
3:  t3 23
4:  t4 23
5:  t5 28
6:  t6 35
7:  t7 29
8:  t8 27
9:  t9 34
10: t10 34
11: t11 17
12: t12 11
13: t13 12
23.    df3.3 <- df3.2[order(tr,decreasing=FALSE),]

```

Model tabel yang tersimpan pada objek df3 diubah menjadi model melebar pada baris 25. Hasil yang diperoleh ditampilkan dengan baris 26. Nilai-nilai numerik yang terdapat pada kolom t1-t13 pada objek ini merupakan jumlah individu dari spesies. Nampak bahwa objek df4 pada baris tersebut setiap kolomnya memiliki tipe data NA, yang harus diubah menjadi data numerik dengan nilai nul. Hal ini dilakukan pada baris 28 dan hasilnya ditampilkan pada baris 29.

```

24.    #- Ubah menjadi melebar
25.    df4 <- dcast(data=df3,formula=spesies~tr,value.var='den')
26.    head(df4)
      spesies t1 t10 t11 t12 t13 t2 t3 t4 t5 t6 t7 t8 t9
1:      A    6  21   4  NA  NA  4  9 15 19  9  6  6 10
2:     A1  NA  NA  NA  NA  NA  1  NA NA NA NA NA NA NA
3:     A2  NA   3  NA  NA  NA  NA  NA NA NA  1  1  2  1 NA
4:     A3  NA  NA  NA  NA  NA  NA  NA NA NA NA NA NA NA  2
5:      B   13  NA  11  1  1  9 14  1  NA NA NA NA NA  3
6:     B1  NA  NA  NA  NA  NA  1  NA NA NA NA NA NA NA  3
27.    #- untuk mengubah nama "NA" menjadi "0"
28.    df4[is.na(df4)]<-0
29.    head(df4)

```

```

spesies t1 t10 t11 t12 t13 t2 t3 t4 t5 t6 t7 t8 t9
1:      A  6  21  4  0  0  4  9 15 19  9  6  6 10
2:     A1  0  0  0  0  0  1  0  0  0  0  0  0  0
3:     A2  0  3  0  0  0  0  0  0  1  1  2  1  0
4:     A3  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  0  2
5:      B 13  0 11  1  1  9 14  1  0  0  0  0  3
6:     B1  0  0  0  0  0  1  0  0  0  0  0  0  3

```

Kolum spesies yang terdapat pada objek df4 dihilangkan pada baris 31, selanjutnya dihitung jumlah total individu spesies pada kolum t1-t13 yang dilakukan pada baris 34-35 dan hasilnya ditampilkan pada baris 36. Terlihat bahwa objek penyimpanan data pada baris 36 adalah df5.2, dan melalui data pada objek ini dapat ditentukan kolum yang memiliki jumlah individu spesies paling sedikit yang menjadi acuan untuk *rarefaction*. Penentuan jumlah individu yang paling sedikit dilakukan pada baris 38 dan ditampilkan pada baris 39. Data pada objek df5 kemudian diputar sehingga bagian baris menjadi kolum dan bagian kolum menjadi baris (baris 40-41).

```

30. #- Pilih kolum/variabel
31. df5 = df4[, !c("spesies"), with=FALSE]
32. #- Kelimpahan Spesies Setiap Tegakan
33. #- Menentukan kolum yang hendak diketahui kelimpahannya
34. pilih.kolum <- c("t1", "t10", "t11", "t12", "t13", "t2", "t3", "t4", "t5", "t6",
"t7", "t8", "t9")
35. df5.2 <- df4[, lapply(.SD, sum), .SDcols= pilih.kolum]
36. df5.2
    t1 t10 t11 t12 t13 t2 t3 t4 t5 t6 t7 t8 t9
1: 50 128 162 46 53 80 76 83 99 100 109 113 84
37. #- Menentukan kolum dengan nilai terkecil
38. baris.min <- min(df5.2)
39. baris.min
[1] 46
40. #- Putar data (transformasi)
41. df6 <- t(df5)

```

Pendugaan jumlah spesies pada setiap transek dilakukan pada baris 45, dan kemudian hasilnya disimpan dalam bentuk data.frame (baris 47). Baris 48-54 merupakan perintah untuk menampilkan data yang diperoleh setelah dilakukan *rarefaction* dan selanjutnya hasilnya ditampilkan pada baris 55. Nampak pada baris 55 kolum RF yang merupakan jumlah spesies yang diduga terdapat pada suatu transek pengamatan.

```

42. #- lakukan rarefaction dengan mengacu pada nilai jumlah terkecil
43. #- jumlah individu terkecil dari tegakan
44. #- rarefy memperkirakan jumlah sp yang ada pada suatu tegakan
45. srare <- rarefy (df6,baris.min)
46. srare <- data.frame(srare)
47. rarefaction <- setNames(cbind(rownames(srare),

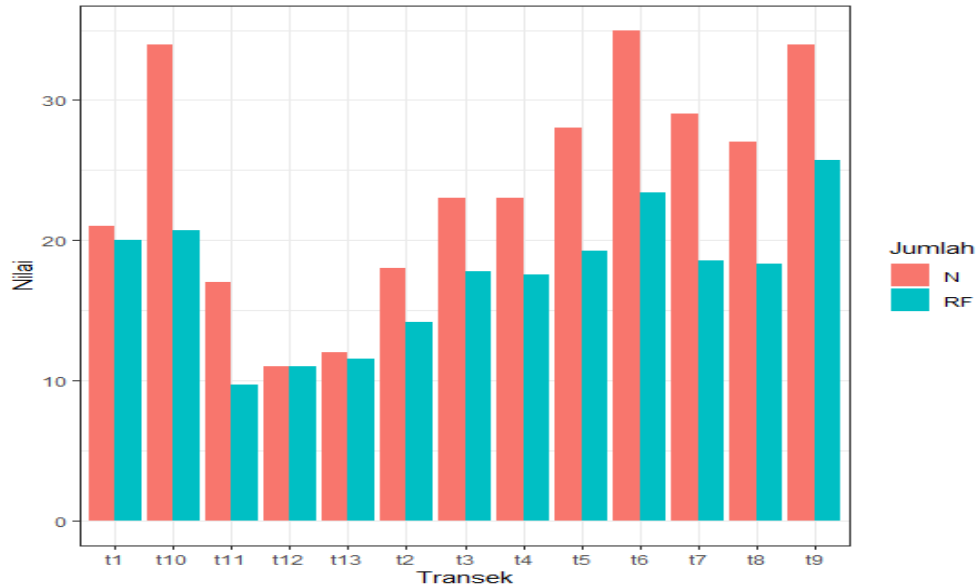
```

```

        srare,
        row.names = NULL),
        c('Transek', 'RF'))
48. rarefaction <- as.data.table(rarefaction)
49. is.data.table(rarefaction)
    [1] TRUE
50. rarefaction <- rarefaction[order(Transek, decreasing=FALSE),]
51. rarefaction <- data.table(rarefaction, df3.3)
52. #- Pilih kolom/variabel
53. rarefaction <- rarefaction[, !c("tr"), with=FALSE]
54. rarefaction <- rarefaction[order(RF, decreasing=TRUE),]
55. rarefaction
      Transek      RF  N
1:      t9 25.72372 34
2:      t6 23.38697 35
3:     t10 20.74815 34
4:      t1 20.02020 21
5:      t5 19.29016 28
6:      t7 18.59586 29
7:      t8 18.35120 27
8:      t3 17.77049 23
9:      t4 17.59924 23
10:     t2 14.15385 18
11:    t13 11.58679 12
12:    t12 11.00000 11
13:    t11  9.75473 17

```

Objek rarefaction pada baris 55 selanjutnya ditampilkan dalam bentuk grafik sehingga dapat lebih mudah dipahami. Objek data kemudian dibuat agar diperoleh tabel dalam bentuk data.frame yang dapat digunakan untuk menghasilkan grafik (baris 57). Baris 59-61 merupakan perintah untuk membuat grafik, dan pada baris 63 dapat dilihat grafik yang dibuat. Hasil grafik yang dibuat dapat dilihat pada Gambar 1, yang menunjukkan grafik batang berkelompok. Batang dengan warna merah menunjukkan jumlah spesies yang sebenarnya dan yang berwarna biru merupakan jumlah dugaan spesies.



Gambar 1. Jumlah spesies dan dugaan jumlah spesies dengan metode Rarefaction. Keterangan: N: Jumlah spesies yang ditemukan, RF: Dugaan jumlah spesies dengan rarefaction.

```

56. #- Buat Grafik
57. data <- gather(rarefaction, key = 'Jumlah', value = 'Nilai',
                  c('RF', 'N'))
58. #- Membentuk Grafik
59. g <- ggplot(data = data, mapping=aes(x=Transek, y=Nilai))
60. g <- g + geom_bar(aes(fill = Jumlah),
                    position = 'dodge', stat='identity')
61. g <- g + theme_bw()
62. #- Menampilkan Grafik
63. print(g)

```

Program adalah kumpulan instruksi atau perintah yang disusun sedemikian rupa sehingga mempunyai urutan logika yang benar (Santosa, 1987). *R packages* atau *library* merupakan kumpulan dari fungsi serta perangkat data yang dikembangkan oleh komunitas dan bermanfaat meningkatkan kemampuan bawaan dasar (Datacamp, 2022).

Penelitian menggunakan metode Rarefaction antara lain dilakukan di hutan hujan tropis Paracou, Guiana, Perancis untuk menduga kekayaan spesies pohon (Molino & Sabatier, 2001), juga pada daerah hutan hujan tropis dataran rendah dengan tanah yang miskin hara di Área de Conservación Osa (ACOSA) pada lereng Pacific barat daya Costa Rica (Hofhansl *et al.*, 2019). Metode yang sama juga digunakan pada penelitian di lereng hutan gunung Trus Madi, Sabah, Malaysia (Adam, 2001). Metode rarefaction dapat digunakan untuk standarisasi seluruh sampel menjadi ukuran yang umum (Barantes & Sandoval, 2009). Bahasa pemrograman R dapat digunakan untuk membangun program Rarefaction.